Journal of Horticultural Science
https://jhs.um.ac.ir

Research Article
Vol. 37, No. 4, Winter 2024, p. 963-980

Evaluation of Progeny and Introduction of Superior Genotypes of F_2 Generation Resulting from Crossing of Samsoori Cantaloupe by Galia Commercial Cultivar

S. Pourmombeini[1], M. Lotfi[2]*, H. Remshini[3]

1 and 2- Ph.D. Gratuate and Associate Professor, Department of Horticultural Science, Aburaihan Campus, University of Tehran, Tehran, Iran, respectively.
(*- Corresponding Author Email: mlotfi@ut.ac.ir)
3- Associate Professor, Department of Agronomy and Plant Breeding, Aburaihan Campus, University of Tehran, Tehran, Iran

Received: 14-11-2022 Revised: 15-04-2023 Accepted: 13-09-2023 Available Online: 13-09-2023	**How to cite this article:** Pourmombeini, S., Lotfi, M., & Remshini, H. (2024). Evaluation of progeny and introduction of superior genotypes of F2 generation resulting from crossing of Samsoori cantaloupe by Galia commercial cultivar. *Journal of Horticultural Science*, *37*(4), 963-980. (In Persian with English abstract). https://doi.org/10.22067/jhs.2023.76677.1172

Introduction

Cantaloupes, are a group of *Cucumis melo* cultivars, that have round, fragrant fruits with netted skin. Our country, is one of the top five producers of cantaloupe, and melon in the world. Its original origin, is still debated, but one of the important centers of its diversity, is Iran. Although, native cultivars, such as, Saveh cantaloupe, Samsoori, Rish Baba, and various types of Tiles, are often of good quality, and taste, but they are sensitive to a variety of fungal and viral diseases and as a result, their yield is low. On the other hand, every year new cultivars and hybrids, are introduced by seed companies, which are welcomed by farmers, due to, their better agronomic characteristics, and resistance to a wider range of diseases. Continuation of this process, in addition to severe genetic erosion of native cultivars, and populations, and even the complete elimination of some of them, will have consequences such as, dependence of production on foreign companies, annual departure of currency from the country, and non-exploitation of the country's genetic resources. Therefore, it seemed that by creating a diverse population resulting from the crossing of superior native cultivars with cultivars of commercially resistant hybrid to diseases, and then, successive selections, new cultivars, with desirable traits of both parents, could be achieved. Thus, in this study, heritability, minimum and maximum mean values of parents, and F_1 and F_2 generations, aggressive segregation, and relative frequency of qualitative traits, in F_2 generation, and selection of the best genotypes, in two dispersing NGF_2 populations, were investigated.

Materials and Methods

Parental cross, was performed in the spring of 2017, between Samsoori cantaloupe cultivar (round, striped fruit, cream skin color, completely reticulate, green flesh, very early ripening fruit, poor transportability and durability, free pollinator and high homogeneity) as the selected native paternal parent, and commercial cultivar from Gallia group, that called Cory and as maternal parent (round fruit, completely reticulate, no striped skin, yellow to cream skin color, high transportability and durability, green and very sweet flesh, high resistance to various plant diseases and viral diseases) and produced by Seminis Company. The first-generation seeds, obtained from parental crosses, were planted in the greenhouse in the fall of 2017, and were self-sown. In the spring of 1397, 1000 seeds of F_2 generation, along with parent seeds, and their first generation, were planted in a seedling tray, in the greenhouses of the Faculty of Agricultural Technology (Aborihan) of Tehran University,

https://doi.org/10.22067/jhs.2023.76677.1172

and transplanted to the ground, in the rental research production farm, located, in Filistan village-Golzar sector-Pakdasht. Controlled pollination, (isolation of male flowers, and manual inoculation) was performed, for all second-generation plants. Selection for subsequent generations, was done by pedigree method, all plants in F_2 generation, were evaluated, and selected. Morphological traits, such as, plant form and phenological traits, such as, day to fruit harvest, were evaluated, and recorded. Plant health, was assessed against common and important fungal, viral and mites, under normal field conditions by scoring the severity of infections in four categories. Fruit quality traits were measured based on nominal, sequential and interval scales and quantitative fruit traits were also measured. Tables of minimum and maximum values, variances, general heritability, transgressive segregation, etc for quantitative traits, also relative frequency percentages and observed genetic ratios for quantitative traits, were calculated.

Results and Discussion

The results showed that all quantitative traits in the F_2 population had a general heritability above 90%. The mean of all quantitative traits except soluble solids and fruit flesh thickness in F1 population was lower than the parental average. In F_2 population, for all quantitative traits, positive transgressive segregation was observed, compared to, the superior parent, and negative transgressive segregation was observed, compared to, the less valuable parent. In the F_2 population, nearly 80% of the genotypes, were completely reticulate, and 20% had less or no netting, on the fruit skin. These results were almost consistent with genetic ratios of 3.1. Also, 35% of F_2 population genotypes, were striped and more than 80% of them had yellowish skin color and green flesh color. Due to, the fact that, selection based on traits with high heritability, will be more reliable, and successful in early generations, so, it is better, to select the best genotypes, in this population, based on fruit weight, soluble solids, and early maturity, respectively.

Conclusion

In the F2 population, positive transgressive segregation was evident for all quantitative traits, favoring the superior parent, while negative segregation was observed for the less valuable parent. Traits exhibiting high heritability showcased a pronounced influence of genetic variance over environmental variance. Consequently, selecting cultivars based on these traits in early generations is expected to yield more reliable and successful outcomes. Therefore, it is better, to selection, the best genotypes in the early generations, in the F_2 population, based on fruit weight, (with high genetic efficiency), soluble solids, day to fruit ripening, and with the pedigree management, of the populations, it is finally, possible to achieve lines, that have the desirable traits, of both parental cultivars. The resulting lines, can be used to produce, new hybrids, or provided, to the farmer, as a single cultivar.

Keywords: Breeding population, Correlation analysis, Heritability, Selection, Transgressive segregation

نشریه علوم باغبانی
https://jhs.um.ac.ir

مقاله پژوهشی
جلد ۳۷، شماره ٤، زمستان ١٤٠٢، ص. ۹۸۰-۹۶۳

ارزیابی نتاج و معرفی ژنوتیپ‌های برتر نسل دوم حاصل از تلاقی طالبی 'سمسوری' با رقم تجاری 'گالیا'

صفدر پورممبینی[۱]- محمود لطفی[۲]*- حسین رامشینی[۳]

تاریخ دریافت: ۱۴۰۱/۰۸/۲۳
تاریخ پذیرش: ۱۴۰۲/۰۶/۲۲

چکیده

ارقام بومی طالبی در ایران کیفیت و طعم مطلوبی دارند ولی به‌دلیل حساسیت به بیماری‌های قارچی و ویروسی و عملکرد پایین در مقایسه با ارقام هیبرید وارداتی به تدریج از چرخه تولید حذف می‌شوند. به‌منظور ترکیب صفات و تشکیل جمعیت اصلاحی، طالبی رقم 'سمسوری' با یک رقم هیبرید تجاری از گروه گالیا که در سال‌های اخیر به‌دلیل مقاومت به بیماری‌ها، قطر گوشت و شیرینی بالا بسیار مورد استقبال جالیزکاران قرار گرفته است، تلاقی داده شد. در این پژوهش تعداد ۱۰۰۰ عدد گیاه نسل دوم حاصل از تلاقی رقم 'سمسوری' با رقم 'کوری'، به همراه بذرهای والدی و نسل اول آنها کشت شدند تا به روش شجره‌ای، بوته‌ها ضمن خودگشنی، در شرایط طبیعی مزرعه برای صفات زراعی، مقاومت به بیماری‌ها و در آزمایشگاه برای صفات کمی و کیفی میوه مورد ارزیابی و گزینش قرار گیرند. نتایج نشان داد همه صفات کمی مورد ارزیابی، بجز ضخامت پوست میوه (۰/۶۶۱) و شاخص شکل میوه (۰/۵۳۱) دارای وراثت‌پذیری عمومی بالای ۸۵ درصد بودند. میانگین همه صفات کمی به جز مواد جامد محلول (۱۰/۸) و ضخامت گوشت میوه (۳/۵۲) در جمعیت F_1 نسبت به میانگین والدین کمتر بود. در جمعیت F_2 برای تمام صفات کمی تفکیک متجاوز مثبت نسبت به والد برتر و تفکیک متجاوز منفی نسبت به والد با ارزش کمتر مشاهده شد. در جمعیت F_2 نزدیک به ۸۰ درصد ژنوتیپ‌ها کاملاً مشبک و ۲۰ درصد دارای میزان شبکه کمتر و یا بدون شبکه روی پوست میوه بودند. این نتایج با نسبت‌های ژنتیکی ۳ به ۱ مندلی همخوانی داشت. همچنین ۳۵ درصد ژنوتیپ‌های جمعیت F_2 خطدار بودند و بیش از ۸۰ درصد آنها رنگ پوست میوه متمایل به زرد و رنگ گوشت میوه سبز داشتند. با توجه به اینکه انتخاب براساس صفات با وراثت‌پذیری بالا در نسل‌های اولیه قابل اعتماد و موفقیت آمیزتر خواهد بود، بنابراین بهتر است گزینش ژنوتیپ‌های برتر در این جمعیت به ترتیب براساس صفات مهم اقتصادی، وزن میوه، مواد جامد محلول و زودرسی صورت گیرد.

واژه‌های کلیدی: تجزیه همبستگی، تفکیک متجاوز، جمعیت اصلاحی، گزینش، وراثت‌پذیری

مقدمه

طالبی به گروهی از ارقام گونه *Cucumis melo* گفته می‌شود که میوه‌های گرد، معطر با پوست مشبک دارند. در بازار مصرف ایران این گروه به‌دلیل گوشت نرم و آبدار کاملا متمایز و پرطرفدار هستند. کشور ما با تولید بیش از یک میلیون و ششصد هزار تن در سال جزو پنج کشور برتر تولید کننده طالبی و خربزه در جهان می‌باشد (FAO, 2019). منشاء اولیه طالبی و خربزه هنوز مورد بحث است ولی یکی از مراکز مهم تنوع آن ایران می‌باشد (Kerje & Grum, 2000). در پی کشت و گزینش زارعین طی قرن‌های متمادی، ده‌ها رقم محلی به جای مانده است که برخی از آنها مانند طالبی ساوه، سمسوری، ریش بابا و انواع تیل کاملا شناخته شده و در سطوح وسیع کشت می‌شوند. اگرچه ارقام یاد شده اغلب از کیفیت و طعم مطلوبی برخوردار هستند

۱ و ۲- دانش‌آموخته دکتری و دانشیار، گروه علوم باغبانی، پردیس ابوریحان دانشگاه تهران، تهران، ایران
(*- نویسنده مسئول: Email: mlotfi@ut.ac.ir)
۳- دانشیار گروه علوم زراعی و اصلاح نباتات، پردیس ابوریحان دانشگاه تهران، تهران، ایران

https://doi.org/10.22067/jhs.2023.76677.1172

ولی نسبت به انواع عوامل بیماریزای قارچی (*Fusarium oxysporum, Macrophomina phaseolina, Phytophthora capsici*) (Shirali, 2016)، و ویروسی (CMV, WMV and ZYMV) (Gholizadeh, 2016) حساس و در نتیجه عملکرد آنها پایین است. عدم وجود برنامه به‌نژادی برای این ذخایر ژنتیکی با ارزش، موجب گردید عملکرد ملون‌ها طی چند دهه گذشته در ایران بر خلاف دیگر مناطق جهان روند نزولی داشته باشد و ضمن افزایش هزینه‌های تولید، موجب هدر رفت منابع آب و خاک شود. از طرف دیگر، در سال‌های اخیر به‌تدریج کشت ارقام وارداتی گسترش یافته که اگرچه خیلی مطابق سلیقه مصرف‌کننده ایرانی نیستند اما جالیزکاران آنها را به‌دلیل مقاومت و عملکرد بالا ترجیح می‌دهند. بنابراین هر سال ارقام و هیبریدهای جدیدی توسط شرکت‌های بذری معرفی می‌شوند که علی‌رغم قیمت بسیار بالا به‌دلیل داشتن ویژگی‌های زراعی بهتر و مقاومت به طیف وسیع‌تری از بیماری‌ها مورد استقبال زارعین قرار می‌گیرند. ادامه این روند، ضمن فرسایش شدید ژنتیکی ارقام و توده‌های بومی و حتی حذف کامل برخی از آنها، پیامدهایی از قبیل وابستگی تولید این محصول بومی به شرکت‌های خارجی، خروج هر ساله ارز از کشور و عدم بهره‌برداری از ذخایر ژنتیکی کشور را در پی خواهد داشت.

مهمترین صفات جهت آزاد سازی ارقام جدید طالبی عملکرد بالا، شکل و اندازه، زودرسی و کیفیت میوه می‌باشد (Zalapa *et al*., 2006). آگاهی از وراثت‌پذیری صفات، نوع عمل ژن‌های کنترل کننده، وجود هتروزیس و تعدد و تنوع تفکیک یافته‌های متجاوز نسبت به والدین در گزینش ژنوتیپ‌های برتر اهمیت فراوانی دارد. بالابودن وراثت‌پذیری عمومی بیانگر زیادتر بودن تنوع ژنتیکی نسبت به تنوع محیطی و همچنین ادغام اثر متقابل ژنوتیپ و محیط در جمعیت مورد نظر است. هرچه میزان وراثت صفتی بالاتر باشد، نرخ نسبی انتقال صفات از والدین به نتاج بالاتر خواهد بود (Zalapa *et al*., 2007, 2008). بالا بودن وراثت‌پذیری خصوصی نشان دهنده سهم پایین اثرات محیطی بر صفات و بالا بودن سهم اثرات افزایشی ژن‌ها در کنترل صفت است. وراثت‌پذیری خصوصی پایین صفات نشان می‌دهد که گزینش در نسل‌های اولیه اصلاحی به‌منظور بهبود این صفات، بازده ژنتیکی مطلوبی نداشته و بهتر است به نسل‌های پیشرفته‌تر موکول شود تا همراه با افزایش سهم اثرات افزایشی ژن‌ها، بازده ژنتیکی گزینش نیز افزایش یابد (Dorri *et al*., 2014). هر چه عمل افزایشی ژن برای صفات مورد نظر بیشتر باشد بازدهی ناشی از انتخاب بیشتر است و از اثرات غالبیت و فوق غالبیت می‌توان در برنامه‌های تولید ارقام دورگ و بهره‌مندی از هتروزیس استفاده کرد (Ehdaie, 2008).

نارویی راد و رافضی (Naroui Rad & Rafezi, 2020) جهت بررسی و توصیف مورفولوژیکی و تجزیه و تحلیل اجزای ژنتیکی صفات و عملکرد میوه در ۱۰ توده خربزه ایرانی نشان دادند واریانس فنوتیپی در اکثر صفات بیشتر از واریانس ژنوتیپی بود. تعداد میوه و قطر گوشت با ۷۴ و ۷۰ درصد به‌ترتیب بیشترین وراثت‌پذیری را بین صفات داشتند. همچنین نتایج نشان داد عملکرد با وزن میوه، قطر گوشت و قطر حفره همبستگی مثبت و بسیار معنی‌دار داشت. راخی و رجامونی (Rakhi & Rajamoni, 2005) با بررسی ۴۲ توده طالبی-خربزه، تنوع، وراثت‌پذیری و پیشرفت ژنتیکی صفات را مورد ارزیابی قرار دادند. نتایج نشان داد عملکرد بوته و پس از آن وزن میوه دارای حداکثر ضریب تغییرات ژنوتیپی و فنوتیپی بودند. وراثت‌پذیری همراه با پیشرفت ژنتیکی بالا برای طول میوه، وزن متوسط میوه مشاهده شد که نشان‌دهنده وجود زمینه برای بهبود خربزه از طریق انتخاب است.

در پژوهشی بر روی صفات وابسته به عملکرد، دو ژنوتیپ طالبی تلاقی داده شدند و تفاوت معنی‌دار بین والدین و نتاج برای همه صفات مشاهده شد و تجزیه میانگین نسل‌ها برای گیاهان F_3 نشان داد اثر افزایشی ژن‌های کنترل کننده تعداد ساقه فرعی اولیه و تعداد میوه مهم‌تر بودند در حالی‌که در کنترل صفات روز تا گلدهی، وزن میوه در هر بوته و میانگین وزن میوه اثرات ژنی غالبیت و اپیستازی حائز اهمیت بیشتری بودند (Zalapa *et al*., 2006). زالاپا و همکاران (Zalapa *et al*., 2008) در ارزیابی صفات میوه، دورگ‌های حاصل از یک رقم اسپانیایی[1] چند توده از سایر مناطق دنیا برای صفات طول و شکل میوه هتروزیس مثبت (بصورت کشیده شدن طول میوه) مشاهده کردند ولی برای مواد جامد محلول هتروزیس مشاهده نشد (Monforte *et al*., 2005). هتروزیس مثبت در پژوهش‌های دیگری روی ملون‌های شرقی نیز مشاهده شده است (Kitroongruang *et al*., 1992;Iathet & Piluek, 2006).

با تشکیل جمعیت‌های حاصل از تلاقی ارقام برتر بومی با ارقام مطلوب و مقاوم به بیماری‌ها و سپس گزینش‌های متوالی می‌توان به ارقام جدید واجد صفات مطلوب هر دو والد دست یافت (Pitrat, 2008). بر این اساس اولین گام در هر برنامه اصلاحی، انتخاب والدین مناسب دارای صفات مطلوب برای انجام تلاقی می‌باشد. رقم طالبی سمسوری یکی از ارقام آزاد گرده‌افشان بومی است که از همگنی بالایی برخوردار است و به دلیل شکل مناسب، طعم مطلوب و زودرسی سطح کشت بسیار وسیعی را به خود اختصاص داده است (Jariani *et al*., 2021). در سال‌های اخیر چند نمونه برگزیده با نام سمسوری ۸۸، سمسوری و فلات از این رقم از طریق گزینش توده‌ای معرفی شده است ولی همه آنها نسبت به انواع بوته میری و بیماری های ویروسی بسیار آسیب پذیر می باشند. اگرچه لاین‌های اصلاحی مختلفی برای مقاومت به برخی از بیماری‌های مهم معرفی شده است

1- piel de sapo

ولی انجام تلاقی برگشتی با تک تک آنها بسیار مشکل و وقت‌گیر خواهد بود. از سوی دیگر در سال‌های اخیر ارقام هیبریدی معرفی شده‌اند که بسیاری از ژن‌های مقاومت در آنها تجمیع شده و میوه‌ی آنها هم کیفیت بالا و نزدیک به والدهای ایرانی دارد. از این‌رو در این تحقیق وراثت‌پذیری، بررسی مقادیر کمینه و بیشینه میانگین والدین و نسل‌های F_1 و F_2، بررسی تفکیک متجاوز و فراوانی نسبی صفات کیفی در نسل F_2 و گزینش بهترین ژنوتیپ‌ها در دو جمعیت در حال تفرق NGF2 مورد بررسی قرار گرفت. این جمعیت از تلاقی رقم سمسوری در رقم گالیا تولید شده است.

مواد و روش‌ها

مواد گیاهی و روش اصلاحی مورد استفاده

در بهار سال ۱۳۹۶ طالبی رقم ’سمسوری‘ دارای میوه گرد، خط‌دار، رنگ زمینه پوست کرم، کاملاً مشبک، گوشت سبز، آبدار و شیرینی متوسط، تشکیل میوه متمرکز و بسیار زودرس، قابلیت حمل و نقل و ماندگاری ضعیف به عنوان منتخب بومی با یک رقم تجاری از گروه گالیا به‌نام ’کوری‘ با میوه گرد، کاملاً مشبک، بدون خط و شیار، رنگ زمینه پوست زرد تا کرم، قابلیت حمل و نقل و ماندگاری بالا، گوشت سبز دارای بافت سفت و پایدار، مقاومت بالا نسبت به انواع بوته‌میری و بیماری‌های ویروسی (Pitrat, 2008) در مزرعه پژوهشی پردیس ابوریحان دانشگاه تهران (پاکدشت) تلاقی داده شدند. رقم کوری از آن جهت انتخاب شد که در بررسی‌های قبلی علاوه بر مقاومت یا تحمل به طیف وسیعی از بیماری‌های قارچی و ویروسی در مزرعه، بیشترین شباهت در صفات مورد نظر را به رقم سمسوری داشت. بذور نسل اول حاصل از تلاقی در پاییز سال ۱۳۹۶ در گلخانه کشت و به‌منظور بروز تنوع خودگشن گردیدند. در بهار ۱۳۹۷ تعداد ۱۰۰۰ بذر از نسل F_2 به همراه بذور والدین و نسل اول آنها داخل گلخانه در سینی نشا کشت و پس از حدود یک ماه نشاهای مرحله سه برگی مقاوم‌سازی و به زمین مزرعه واقع در فیلستان شهرستان پاکدشت با بافت خاک لومی شنی منتقل گردیدند. فاصله ردیف‌های کشت ۱۷۰ و فاصله بوته‌ها روی ردیف ۸۰ سانتی‌متر بود. با توجه به اینکه در نظر بود گزینش برای نسل‌های بعدی به روش شجره‌ای انجام شود (Pitrat, 2008)، گیاهان در نسل F_2 مورد ارزیابی و گزینش قرار رفتند. از طرف دیگر، چون بسیاری از صفات بعد از تشکیل و برداشت میوه‌ها مشخص می‌شدند، عملیات گرده افشانی کنترل شده برای تمام بوته‌های نسل دوم انجام شد تا هر بوته حداقل یک میوه حاصل از خودگشنی برای انتقال به نسل بعد داشته باشد. برای این منظور گل‌های نر و دوجنسه هر گیاه جهت جلوگیری از ورود حشرات، روز قبل از شکوفایی با یک سنجاق ایزوله و صبح روز بعد تا قبل از ساعت ۱۱، تلقیح گل‌ها بصورت دستی انجام می‌شد (Rajitha Nair & Kumar, 2021). برای اطمینان از تشکیل دست کم یک میوه، در هر بوته تعداد ۳ گل خودگشن شدند.

ارزیابی ویژگی‌های زراعی بوته‌ها

پس از استقرار گیاهان در زمین، تک تک بوته‌ها بصورت هفتگی ارزیابی و ویژگی‌های مهم آنها یادداشت شد. ضمن انجام عملیات زراعی و مراقبت‌های لازم در طول دورهٔ رشد گیاهان، صفات مورفولوژیک مانند فرم و میزان گستردگی بوته و صفات فنولوژیک مانند روز تا برداشت میوه ارزیابی و یاداشت‌برداری شدند. از نظر فرم و شکل ظاهری، بوته‌ها در سه سطح (بوته‌های رونده با ظاهری شبیه والد گالیا با رتبه ۱، بوته‌های کپه‌ای شبیه والد ایرانی با رتبه ۳ و بوته-های حد واسط با رتبه ۲) قرار داده شدند. از نظر میزان رشد رویشی و گستردگی، بوته‌ها در پنج سطح (کوچکترین بوته‌ها در رده ۱ و بزرگترین بوته‌ها تحت عنوان بوته‌های علوفه‌ای در رده ۵) قرار گرفتند. فقط بوته‌های دارای عادت رشد رویشی با رتبه بین ۲ تا ۴ به شرط داشتن دیگر ویژگی‌های مناسب گزینش شدند (Choudhary *et al.*, 2015; Adib *et al.*, 2022). تصویر میوه و بوته گیاهان والدی و برخی از بهترین ژنوتیپ‌های گزینش شده در جمعیت F_2 در شکل ۳ ارائه شده است.

ارزیابی بوته‌ها از نظر بوته میری، آلودگی به ویروس و کنه

ارزیابی سلامت بوته‌ها نسبت به بیماری‌های شایع و مهم قارچی، ویروسی و کنه تحت شرایط طبیعی مزرعه با امتیازدهی شدت آلودگی‌ها در چهار رده انجام شد. براساس بررسی انجام شده توسط متخصصین بیماری‌های گیاهی شایع‌ترین عامل بوته‌میری در مزرعه آزمایشی قارچ *Macophomina phaseolina* بود. برخی بوته‌های آلوده شده بعد از مدتی پژمرده شده و از بین می‌رفتند ولی برخی علی رغم ظهور علایم، تحمل کرده و زنده می ماندند. از نظر بوته میری، بوته‌های کاملاً سالم و با ساقه‌های بدون علامت در رده ۱، آلودگی بافت‌های ساقه کمتر از ۲۵ درصد در رده ۲، آلودگی بافت‌های ساقه ۲۶ تا ۵۰ درصد در رده ۳ و آلودگی بیش از ۵۰ درصد و کاملاً تخریب شده در رده ۴ قرار گرفتند.

براساس بررسی انجام شده توسط متخصصین بیماری‌های گیاهی شایع‌ترین ویروس‌ها در مزرعه آزمایشی ZYMV ، WMV و CMV بودند. برگ بوته‌های آلوده به ویروس علایم زردی یا موزاییکی نشان داده و اغلب با کاهش رشد مواجه می‌شدند (Damicone *et al.*, 2020; Kurosky *et al.*, 2017). از نظر آلودگی ویروسی، بوته‌ها با برگ‌های بدون علائم موزاییکی در رده ۱، بوته‌ها با علایم خفیف روی برگ‌ها در رده ۲، علایم متوسط در رده ۳ و علایم شدید در رده

۴ قرار گرفتند. همچنین بوته‌های آلوده به کنه تارتن دو نقطه‌ای معمولاً گرد آلود شده و بخش هوایی آنها پوشیده از تارهایی شبیه تار عنکبوت می‌شدند. از نظر آلودگی به کنه، رده ۱ شامل بوته‌های بدون علائم، رده ۲ آلودگی خفیف، رده ۳ آلودگی متوسط و رده ۴ شامل بوته‌ها با آلودگی شدید بودند (Roy, 1997). بوته‌های مبتلا به انواع بیماری، ویروس یا کنه که به‌ترتیب دارای رتبه‌ای بالاتر از ۲ داشتند به‌عنوان بوته‌های با تحمل پایین یا حساس از جمعیت حذف شدند.

ارزیابی کیفیت میوه‌ها

با توجه به شماره‌گذاری بوته‌ها، میوه‌های رسیده هر بوته بصورت جداگانه برداشت و به آزمایشگاه تولید و ژنتیک گیاهی پردیس ابوریحان انتقال یافتند. سپس صفات کیفی میوه به شرح زیر و براساس مقیاس‌های اسمی، ترتیبی (رتبه‌ای) و فاصله‌ای اندازه‌گیری شد: سفتی پوست میوه در سه سطح (نرم با رتبه ۱، سفتی متوسط با رتبه ۲ و خیلی سفت با رتبه ۳)، رنگ پوست میوه در پنج سطح (سبز، کرمی، زرد، نارنجی و سفید)، میزان شبکه روی پوست در چهار سطح (سطح ۱ برای میوه‌های صاف و بدون شبکه‌بندی، سطح ۲ برای میوه‌های با شبکه بندی کم و ضعیف، سطح ۳ برای میوه‌های با شبکه‌بندی نسبتا توسعه یافته ولی ناقص و سطح ۴ برای میوه‌های کاملا مشبک و شبکه برجسته)، وجود یا عدم وجود خط روی پوست میوه در سه سطح (بدون خط با رتبه ۱، میوه با خطوط کمرنگ با رتبه ۲ و میوه‌های با خطوط کاملاً مشخص با رتبه ۳)، شیار روی پوست میوه در دو سطح (میوه‌های بدون شیار با رتبه ۱ و میوه‌های شیار دار با رتبه ۲)، رنگ گوشت میوه در چهار سطح (سفید، سبز کم رنگ، سبز و نارنجی)، سفتی گوشت میوه در سه سطح (نرم با رتبه ۱، سفتی متوسط با رتبه ۲ و خیلی سفت با رتبه ۳)، آبدار بودن گوشت میوه در دو سطح (آبدار با رتبه ۱ و کم‌آب با رتبه)، ارزیابی شد (Anam *et al*., 2022; Choudhary *et al*., 2015; Adib *et al*., 2022). بر این اساس، میوه‌های مشبک (با رتبه ۴)، دارای خطوط و رگه (با رتبه ۳)، پوست ضخیم و سفت (با رتبه ۳) و گوشت میوه نرم و آبدار (با رتبه ۱) گزینش شد.

صفات کمی میوه شامل طول میوه یا طول محور بزرگ (فاصله بین نقاط ابتدا و انتهای بزرگترین خط کشیده شده درون میوه)، قطر میوه یا طول محور کوچک (طول بزرگ‌ترین خط عمود قابل رسم بر طول میوه)، شاخص شکل میوه (نسبت طول محور بزرگ به طول محور کوچک میوه یا نسبت طول به قطر)، قطر حفره بذری (بیشترین میزان حفره‌ی داخلی میوه در جهت عمود بر محور اصلی میوه)، ضخامت گوشت (میانگین ضخامت گوشت میوه از لبه پوست تا حفره بذری میوه) بر حسب سانتی‌متر ثبت شد. تعداد میوه تشکیل شده و وزن متوسط میوه در هر بوته بر حسب گرم و درصد قند میوه (مواد جامد محلول) بر حسب درجه بریکس با ریختن چند قطره از عصاره میوه روی منشور رفرکتومتر اندازه‌گیری شد (Ramezani *et al*., 2018).

تجزیه‌های آماری

پس از ارزیابی نهایی و ثبت مشخصات میوه و بوته، داده‌ها نخست در نرم‌افزار اکسل وارد با گزینه min و max داده‌های پرت شناسایی شد. جهت تهیه جداول کمینه و بیشینه P_1، P_2، F_1، F_2، VP_1، VP_2، VF_1، VF_2 و VE، h^2b محاسبه شد که به‌ترتیب میانگین داده‌ها برای والد 'سمسوری'، گالیا، و واریانس والد 'سمسوری'، نسل F_1، نسل F_2، واریانس محیطی و وراثت‌پذیری عمومی می‌باشند. تفکیک متجاوز مثبت و منفی برای صفات کمی ارزیابی شده، درصد فراوانی نسبی و نسبت‌های ژنتیکی مشاهده شده برای صفات کمی نیز محاسبه گردید. واریانس‌ها و وراثت‌پذیری از طریق فرمول‌های زیر برآورد شد (Pistorale & Adriana, 2008).

$VE = (VP_1 + VP_2)/2$ 2) $VP = VG + VE$ 3) $VF_2 = VP$ 4) $h^2B = (VG/VP)$

برآوردهای منفی در محاسبه وراثت‌پذیری صفر در نظر گرفته شد (Robinson *et al*.,1955). مقادیر مورد انتظار نسل‌ها محاسبه و به کمک آزمون کای اسکور با مقادیر مشاهده شده مقایسه و بررسی شد (Zhang *et al*., 2005). ضریب همبستگی فنوتیپی پیرسون مبتنی بر کواریانس دو متغیر و انحراف معیار آنها تنظیم شد که در مورد داده‌هایی با مقیاس فاصله‌ای و نسبی داده‌های کمی استفاده شد.

نتایج

آماره‌های توصیفی صفات کمی و کیفی نسل‌ها

نتایج نشان داد میانگین واریانس والدین (واریانس محیطی) برای همه صفات کمی، کمتر از واریانس فنوتیپی نسل دوم (F_2) بوده است (جدول ۱). همان طور که مشاهده می‌شود وراثت‌پذیری آنها بالای ۹۰ درصد برآورد شده است با توجه به نتایج، میانگین همه صفات کمی به جز مواد جامد محلول، شاخص شکل و ضخامت گوشت میوه در نسل F_1 نسبت به میانگین والدین کمتر بود (جدول ۱). در دو صفت وزن و طول میوه میانگین نسل اول از میانگین هر یک از والدها کمتر بوده است. در مواد جامد محلول میانگین نسل اول از میانگین والدین بیشتر بود (جدول ۱)، در صفت ضخامت گوشت میوه میانگین نسل F_1 با میانگین والدین برابر بود

در ارتباط با صفات کیفی، میانگین نسل F_1 برای صفت عادت رشد، شبکه روی پوست و سفتی پوست و گوشت میوه، ویروس و کنه از میانگین هر یک از والدین بیشتر بود (جدول ۲). از طرف دیگر میانگین نسل F1 برای صفاتی مانند فرم بوته، شدت بیماری، خطوط

و شبکه‌های روی پوست میوه کمتر از میانگین والدین و با گرایش به یکی از آنها می‌باشد (جدول ۲) در ارتباط با دو صفت ضخامت و شیارهای پوست برابر بودن میانگین نسل F_1 با میانگین والدین، نتایج نشان داد صفات عادت رشد بوته، شدت آلودگی به ویروس، میزان شبکه و شیار و سفتی پوست در میانگین نسل F_2 نسبت به F_1 کاهش داشت. نتایج حاصل از تجزیه همبستگی صفات کمی (جدول ۳) نشان می‌دهد همبستگی مثبت و معنی‌داری در سطح ۱ درصد بین وزن میوه به‌عنوان یکی از اجزاء عملکرد با سایر اجزاء مانند قطر (۰/۹۰۸**) و طول میوه (۰/۸۷۸**)، اندازه حفره بذری (۰/۷۰۶**)، ضخامت گوشت (۰/۶۷۱**) و روز تا برداشت میوه (۰/۲۸۰**) وجود داشت. ارتباط مثبت و غیر معنی‌داری بین مواد جامد محلول با وزن میوه مشاهده شد. بیشترین همبستگی به‌ترتیب بین وزن و عرض میوه و وزن و طول میوه مشاهده شد. با توجه به نتایج هیچ گونه همبستگی منفی بین صفات کمی مورد ارزیابی مشاهده نشد.

جدول ۱- میانگین، کمینه، بیشینه، واریانس، وراثت‌پذیری و تفکیک متجاوز برخی صفات کمی در نسل والدین، F_1 و F_2 در تلاقی ’سمسوری‘در گالیا (NGF_2)

Table 1- Mean, minimum, maximum, variance, inheritability and transgressive segregation of some quantitative traits of parents, generations F_1 and F_2 at the Gallia Samsoori crossing (NGF_2)

NGF2	وزن میوه Weight (g)	طول میوه Length (g)	عرض میوه Width (cm)	شاخص شکل میوه Aspect ratio	قطر حفره بذری Cavity (Cm)	ضخامت گوشت میوه Flesh thickness (g)	مواد جامد محلول TSS (Brix)	روز تا برداشت Harvest time
میانگین والد P1 Average P_1 parent	1239.333	12.333	13.833	0.892	7.500	3.000	6.667	104.667
میانگین والد P_2 Average P2 parent	1215.000	13.000	13.500	0.963	5.250	4.000	12.000	98.500
$(P_1+P_2)/2$	1227.167	12.667	13.667	0.928	6.375	3.500	9.334	101.584
میانگین F_1 Average F_1	1062.600	12.000	12.600	0.952	5.700	3.520	10.800	99.900
میانگین F_2 Average F_2	1143.552	12.412	12.921	0.961	5.770	3.580	10.951	101.595
کمترین در جمعیت F_2 minimumt in the F_2 population	344.000	8.000	9.000	0.889	3.500	2.000	5.000	91.000
بیشترین در جمعیتF2 maximum in the F2 population	2280.000	17.000	17.500	0.971	10.000	5.500	15.000	124.000
میانگین واریانس P_2 و P_1 (VE) Mean of variance P2 and P1 (VE)	7687.167	0.042	0.292	0.500	0.188	0.125	0.167	3.417
واریانس (VP) F_2 Variance (VP) F2	159075.200	3.207	3.007	1.067	1.197	0.369	3.148	29.076
واریانس G Variance G	151388.100	3.166	2.716	0.567	1.009	0.244	2.982	25.660
وراثت بذیری عمومی(VG/Vp) General Inheritance (VG / Vp)	0.952	0.987	0.903	0.531	0.843	0.661	0.947	0.882
تفکیک متجاوز مثبت نسبت به والد برتر Positive transgresive segregation	1040.667	4.000	3.667	0.080	2.500	1.500	3.000	19.333
تفکیک متجاوز منفی (نسبت به والد با ارزش کمتر) Negative transgresive segregationthan	-871	-4.33333	-4.5	-0.074	-1.75	-1	-1.66667	-7.5

جدول ۲- میانگین، کمینه، بیشینه، برخی صفات کیفی والدین، نسل F_1 و F_2 در تلاقی 'سمسوری' در گالیا (NGF_2)

Table 2- Mean, minimum, maximum, some qualitative traits of parents, generations F_1 and F_2 at the Gallia Samsoori crossing (NGF_2)

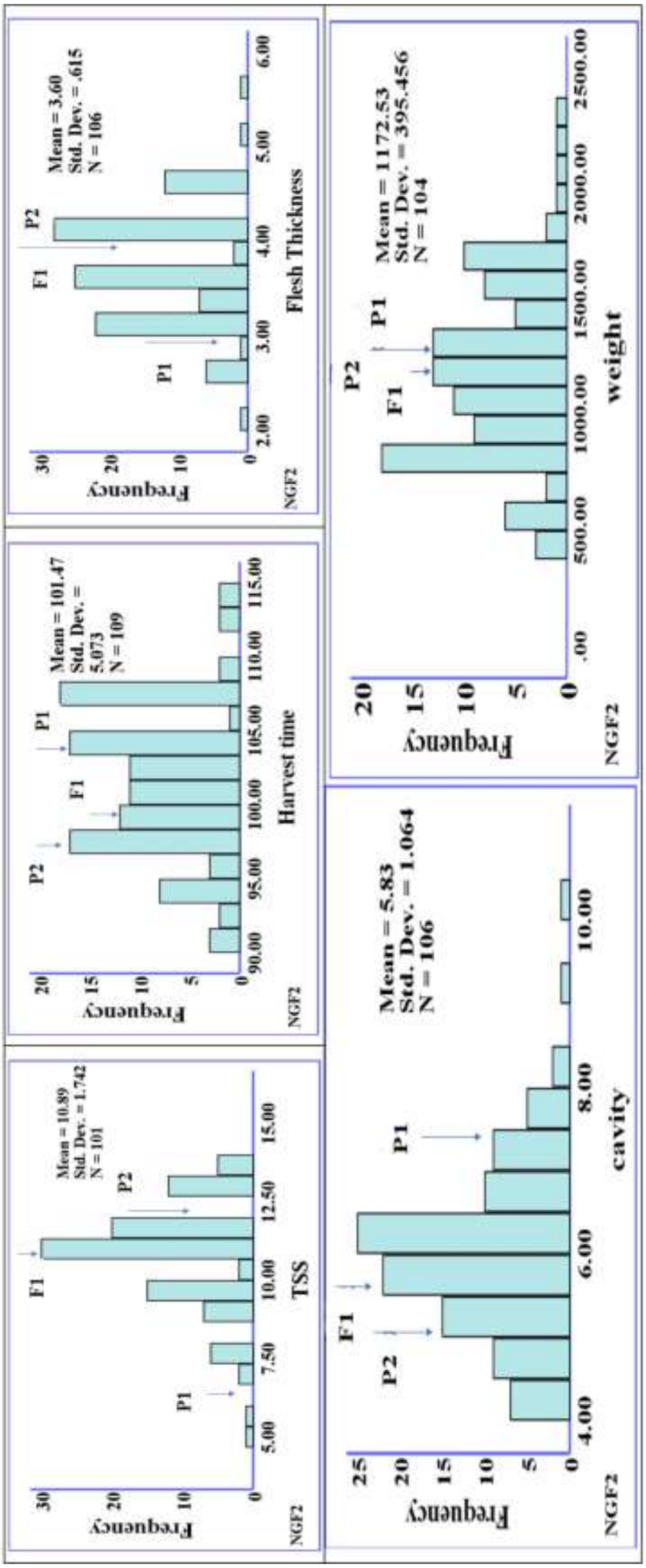
NGF_2	عادت رشد بوته (۵-۱) Growth habit	فرم بوته (۱-۳) Plant form	بیماری (۰-۳) Disease	ویروس (۳-۰) virus	کنه (۰-٤) Mite	شبکه روی پوست (۱-٤) Netting	خط دار بودن (۱-۳) Vein tract	شیار دار بودن (۱-۲) Ridge	سفتی پوست (۱-۳) Rind firmness	ضخامت پوست (۳-۱) Rind thickness	سفتی گوشت (۱-۳) Flesh firmness
میانگین والد P_1 Average P1 parent	3.000	3.000	1.000	1.000	1.000	4.000	3.000	2.000	2.667	1.000	1.000
میانگین والد P_2 Average P2 parent	3.000	1.000	0.000	2.000	1.000	3.000	1.000	2.000	2.500	1.000	1.000
$(P_1+P_2)/2$	3.000	2.000	0.500	1.500	1.000	3.500	2.000	2.000	2.584	1.000	1.000
میانگین F_1 Average F_1	3.700	1.500	0.200	0.800	0.500	4.000	1.600	2.000	3.000	1.000	1.200
میانگین F_2 Average F_2	2.767	1.669	0.377	0.639	1.397	3.788	1.885	1.917	2.576.	1.059	1.259
کمترین در جمعیت F_2 minimumt in the F_2 population	1.000	1.000	0.000	0.000	0.000	2.000	1.000	1.000	1.000	1.000	1.000
بیشترین در جمعیت F_2 maximum in the F_2 population	5.000	3.000	3.000	3.000	3.000	4.000	3.000	2.000	3.000	3.000	3.000

جدول ۳- همبستگی پیرسون بین صفات کمی طالبی در تلاقی 'سمسوری'گالیا در جمعیت F_2

Table 3- Pearson correlation between quantitative traits of cantaloupe at the Gallia Samsoori Crossing (NGF_2)

NGF_2 Correlation pierson	Length طول میوه	Width عرض میوه	Cavity Size قطر حفره بذری	Tickness Flesh ضخامت گوشت میوه	TSS مواد جامد محلول	Harvest time روز تا برداشت
طول میوه length	1.000					
عرض میوه Width	0.807**	1.000				
قطر حفره بذی Cavity Size	0.603**	0.693**	1.000			
ضخامت گوشت میوه thickness Flesh	0.613**	0.66**	0.239*	1.000		
مواد جامد محلول TSS	0.082	0.132	0.082	0.058	1.000	
روز تا برداشت Harvest Time	0.209*	0.252**	0.258**	0.122	0.137	1.000
وزن میوه Weight	0.878**	0.908**	0.706**	0.671**	0.142	0.280**

. ** همبستگی در سطح ۱ درصد معنی‌دار *. همبستگی در سطح ۵ درصد معنی‌دار



شکل ۱- نمودارهای هیستوگرام و پراکندگی برخی صفات کمی در جمعیت NGF2 با تاکید بر جایگاه والدین و میانگین نسل F_1

Figure 1- Histogram of some quantitative traits in the NGF_2 population, emphasizing the position of the parents and the average of the F_1 generation

تفکیک متجاوز برخی صفات کمی

وزن میوه: در ارتباط با وزن میوه در جمعیت NGF_2، نقطه اوج نمودار مربوط به فراوانی میوه‌های با وزن بازه ۷۰۰ تا ۸۲۵ گرم می باشد که نزدیک به ۱۸ درصد از کل نمونه‌های بررسی شده در جمعیت را تشکیل می‌دهند. تمرکز داده‌ها در بازه ۱۱۲۵ گرم تا ۱۳۷۵ گرم می‌باشد که مربوط به وزن ۲۸ درصد از کل میوه‌ها می‌باشد. با توجه به میانگین والدین و نسل‌های F_1 و F_2 (شکل ۱ و جدول ۱) بیش از ۸۵ درصد ژنوتیپ‌های این نسل دارای فنوتیپ‌های خارج از محدوده والدین می‌باشند.

قطر حفره بذری میوه: نتایج پراکنش و گروه‌بندی داده‌ها در شکل ۱، نشان دهنده وجود بیشترین فراوانی نسبی ژنوتیپ‌ها (بیش از ۲۵ درصد) در محدوده ۶ تا ۶/۵ سانتی‌متری از نظر قطر حفره عرضی می‌باشد. بیشترین تمرکز ژنوتیپ‌ها با بیش از ۴۸ درصد مربوط به دسته ۵/۵ تا ۶/۵ سانتی‌متری می‌باشد. با توجه به پراکنش داده در اطراف والدین نزدیک به ۲۳ درصد از نتاج نسبت به والدین تفکیک نشان داد.

ضخامت گوشت میوه: همان‌گونه که در نمودار فراوانی نشان داده است، بیشترین فراوانی نسبی با ۲۸ درصد مربوط به ژنوتیپ‌های بازه ۴ تا ۴/۲۵ سانتی‌متر ضخامت گوشت می‌باشد. نزدیک به ۴۴ درصد بوته‌ها در خارج از محدوده میانگین والدین قرار دارند و بیش از ۶۰ درصد ژنوتیپ‌ها نسبت به والدین تفکیک متجاوز نشان دادند.

مواد جامد محلول میوه (TSS): بیشترین فراوانی نسبی (۳۰ درصد) مربوط به ژنوتیپ‌هایی است که مواد جامد محلول میوه آنها در دامنه‌ی ۱۱/۱ تا ۱۲/۲ درصد و بیشترین تمرکز داده‌ها در دامنه ۱۱/۱ تا ۱۳/۳ قرار دارد. نتایج نشان داد مواد جامد محلول میوه نتاج، خارج از محدوده میانگین والدین به‌عبارتی دارای هتروزیس بوده است.

روز تا برداشت میوه: نتایج نشان می‌دهد بالاترین فراوانی نسبی (۱۸ درصد) در بین جمعیت در حال تفرق مربوط به ژنوتیپ-هایی است که روز تا برداشت آنها در حدود ۱۰۶ تا ۱۰۸ روز و تمرکز رسیدگی (بیش از ۸۸ درصد محصول) بین روزهای ۹۶ تا ۱۰۸ روز از تاریخ کاشت محصول بود (شکل ۱). با توجه به پراکنش داده‌ها در اطراف والدین نزدیک به ۳۷ درصد از ژنوتیپ‌ها از این نظر تفکیک متجاوز مثبت و ناکارامد نشان دادند و ۱۶ درصد آنها فنوتیپ‌های مفید و زودرس بودند.

فراوانی صفات کیفی در والدین و نسل‌های اول و دوم پس از تلاقی

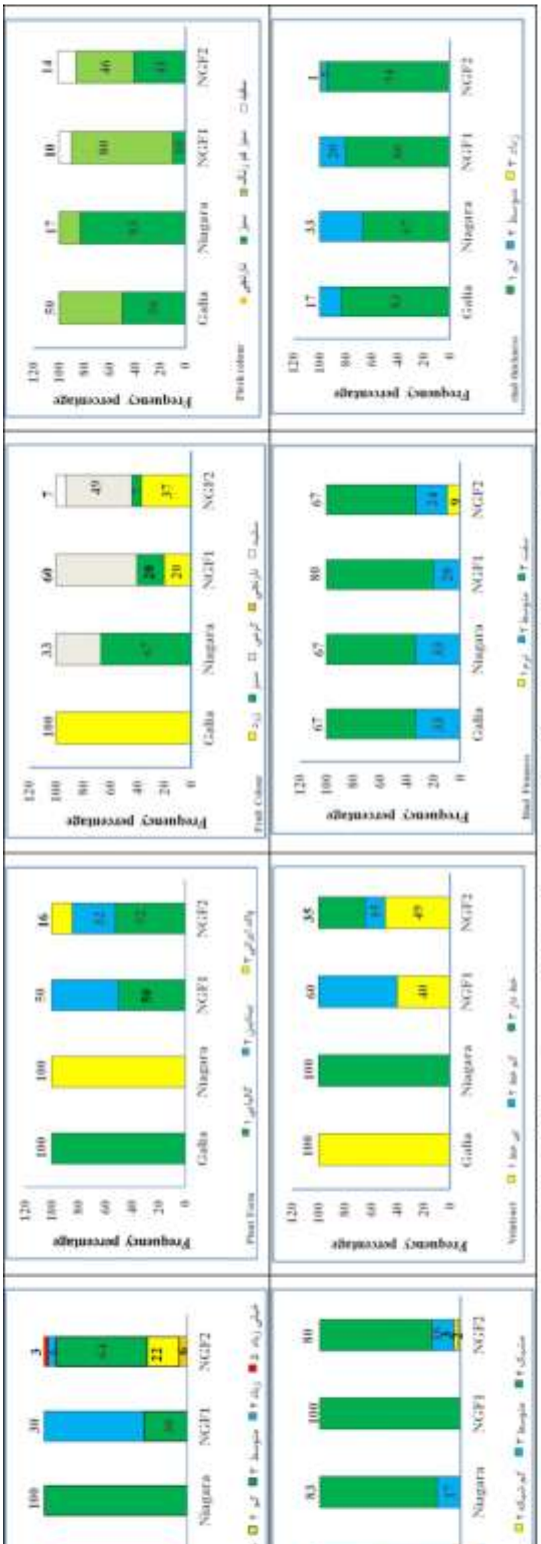
عادت رشد رویشی: بوته‌های والد سمسوری حالت کپه‌ای و شاخ و برگ افراشته داشتند ولی بوته‌های والد گالیا دارای رشد رونده و گستردگی متوسطی بودند. تقریبا ۷۰ درصد بوته‌های نسل اول دارای گستردگی زیاد از نوع ۴ و ۳۰ درصد از نوع رشد رویشی متوسط بودند درحالی‌که در جمعیت F2 نزدیک به ۳ درصد بوته‌ها دارای رشد رویشی خیلی زیاد از نوع ۵ بودند و حدود ۳ درصد نیز رشد رویشی خیلی کم داشتند (شکل ۲). ضمن اینکه ۶۴ درصد ژنوتیپ‌ها در جمعیت F2 دارای عادت رشد رویشی متوسط بودند.

فرم بوته: در ارتباط با فرم بوته نتایج نشان داد ۵۰ درصد بوته های نسل F_1 دارای فرم بوته از نوع گالیایی و شبیه والد گالیا (رونده) و۵۰ درصد دارای فرم بوته شبیه به والد سمسوری (ساقه بالارونده و دارای تیپ بوش و کپه‌ای) بودند. در جمعیت NGF_2 بیش از ۵۰ درصد بوته‌ها دارای فرم گالیایی و بیش از ۳۰ درصد بوته‌ها دارای فرم بینابین و بیش از ۱۵ درصد دارای فرم شبیه والد ایرانی بودند.

رنگ پوست و گوشت میوه: در جمعیت NGF_2 اکثر میوه‌ها دارای رنگ پوست کرمی (۳۷درصد زرد، ۷ درصد سبز، ۷ درصد سفید و ۴۹ درصد زرد کرمی) بودند (شکل ۲). بنابراین در نتاج نسل اول رنگ پوست ۸۰ درصد میوه‌ها کرمی مایل به زرد در جمعیت در حال تفکیک F2 بیش از ۸۰ درصد ژنوتیپ‌ها دارای رنگ پوست زرد بودند. در جمعیت F_2 تقریبا ۴۶ درصد دارای گوشت سبز کمرنگ مایل به سفید، ۴۱ درصد گوشت کاملا سبز و ۱۴ درصد دارای گوشت سفید بودند و هیچ میوه‌ای با گوشت نارنجی در نسل F_2 مشاهده نشد (شکل ۲).

شبکه و خطوط و رگه‌های روی پوست میوه: با توجه به نتایج، ۸۳ درصد میوه‌های والدی سمسوری و ۳۳ درصد بوته‌های والد گالیا کاملا مشبک و بقیه بوته‌ها، دارای شبکه متوسط بودند (شکل ۲). تمامی بوته‌های F_1 و همچنین ۸۰ درصد ژنوتیپ‌ها در جمعیت F_2 کاملا مشبک بودند و تنها ۱ درصد ژنوتیپ‌ها دارای پوست صاف و بدون شبکه بودند. در نسل F_1 همه میوه‌ها بدون خط و برخی دارای خطوط کمرنگ بودند. نتایج نشان داد ۶۵ درصد ژنوتیپ‌های نسل F_2 دارای پوست بدون خط و ۳۵ درصد دارای خطوط واضح یا کمرنگ بودند

سفتی و ضخامت پوست: در هر دو جمعیت F_1، F_2 و والدها و در اکثر ژنوتیپ‌ها و بوته‌ها پوست میوه با فراوانی نسبی خیلی بالا و از نوع متوسط تا سفت مشاهده شد؛ بطوری‌که بیش از ۸۰ درصد بوته های نسل F_1 دارای پوست میوه سفت بودند و تفکیک و تنوع ژنوتیپ ها در نسل F_2 نشان داد ۹ و ۶۷ درصد ژنوتیپ‌ها دارای فراوانی نسبی به‌ترتیب از نوع پوست نرم و سفت بودند. با توجه به نتایج، فراوانی بوته‌های با ضخامت پوست متوسط در دو والدی گالیا و سمسوری به‌ترتیب ۸۳ و ۶۷ درصد بود همچنین نتایج نشان داد (شکل ۲) بیش از ۸۰ و ۹۴ درصد ژنوتیپ‌ها به‌ترتیب در نسل F_1 و در جمعیت در حال تفکیک F_2 دارای میوه‌هایی با ضخامت پوست کم با رتبه ۱ بودند.



شکل ۲- درصد فراوانی برخی صفات کیفی در والدین، نسل NGF_1 و جمعیت NGF_2 در حال تفرق

Figure 2- Frequency percentage of some quality traits in parents, NGF_1 generation and NGF_2 diverging population

بحث

آماره‌های توصیفی صفات کمی و کیفی و همبستگی صفات کمی

کمتر بودن واریانس محیطی نسبت به واریانس فنوتیپی در نسل F2 در بحث آماره‌های توصیفی صفات کمی و کیفی نسل‌ها، نشان دهنده بالا بودن واریانس ژنتیکی و در نتیجه وراثت‌پذیری بالای صفات کمی بویژه وزن، طول، عرض و قند میوه می‌باشد (جدول ۱). همان‌طور که مشاهده شد وراثت‌پذیری صفات کمی بالای ۹۰ درصد برآورد شده است که نشان می‌دهد این صفات بشدت تحت تأثیر عملکرد ژن‌ها هستند. اگرچه وراثت‌پذیری عمومی به خوبی وراثت پذیری خصوصی نمی‌تواند سهم ژنتیکی تنوع را مشخص نماید، اما بالا بودن میزان آن، معرف وجود داشتن پتانسیل بالا، برای انتقال صفات، از والدین به نتاج، و سرعت پیشرفت تحت گزینش، به دنبال تلاقی ژنوتیپ‌های انتخابی از این جمعیت و تولید لینه‌های خالص در آینده می‌باشد. ضمن این‌که مقدار وراثت‌پذیری تحت تأثیر شرایط محیطی در برگیرنده افراد تحت بررسی، جمعیت مورد مطالعه و نوع صفت بوده و در یک جمعیت معین به دست آمده است و خیلی قابل تعمیم به جمعیت‌های دیگر نیست. در ارتباط با میانگین صفات کمی و مقایسه آنها در نسل‌های والدی، F_1 و F_2 نتایج در ارتباط با وزن میوه با نتایج زالاپا و همکاران (Zalapa *et al*., 2006, 2008) مطابقت داشت که آنها نشان دادند اثرات ژنی غالبیت و اپیستازی در کنترل صفات روز تا گلدهی، وزن میوه در هر بوته و میانگین وزن میوه حائز اهمیت بیشتری بودند؛ ولی در تضاد با یافته‌های فیضیان و همکاران (Feyzian *et al*., 2009b) بود؛ و به‌نظر می‌رسد در ارتباط با ضخامت گوشت با نتایج محمدی و همکاران (Mohammady *et al*., 2014a,b) مطابقت داشت که نشان دادند اثرهای افزایشی ژنی در توجیه تنوع ژنتیکی صفات زودرسی، میانگین وزن میوه و ضخامت گوشت مهم‌تر بودند در حالی‌که اثرهای غیرافزایشی ژنی در کنترل صفات تعداد میوه و عملکرد اهمیت بیشتری داشتند. نتایج آنها همچنین نشان داد برای صفات تعداد میوه و عملکرد، تولید هیبرید به منظور بهره‌مندی بیشتر از اثر غیرافزایشی ژن‌ها از اولویت بیشتری برخوردار است، حال آن‌که برای بهبود ژنتیکی صفات زودرسی و ضخامت گوشت گزینش مطلوب‌تر است. همچنین از گزینش مبتنی بر آزمون نتاج می‌توان جهت اصلاح میانگین وزن میوه در طالبی استفاده نمود. نتایج این پژوهش برای روز تا رسیدن میوه مطابق با نتایج فیضیان و همکاران (Feyzian *et al*., 2009a) و در تضاد با نتایج کالب و دیویس (Kalb & Davis, 1984b) بود. کاهش در میزان صفات کیفی، مانند میزان آلوده شدن به ویروس و بیماری در نسل F_2 نسبت به نسل F_1 و همچنین نسبت به والدین، مصداق تفکیک متجاوز منفی ولی کارامد خواهد بود و به پیشرفت گزینش کمک خواهد کرد. بنابراین کاهش در میزان این صفات و گزینش ژنوتیپ های برتر طی نسل‌های متمادی تا رسیدن به خلوص ژنتیکی و ایجاد لاین‌های پیشرفته و خالص، مطلوب و پسندیده خواهد بود.

ضرایب همبستگی فنوتیپی پیرسون، مبتنی بر کواریانس دو متغیر کمی و انحراف معیار آنها تنظیم شده است. اطلاع از همبستگی صفات به‌عنوان بخشی از اولویت‌های ارتقاء سطح کمی تولیدات باغبانی از اهمیت ویژه‌ای برخوردار است. با توجه به همبستگی‌های مثبت و معنی‌دار بین وزن میوه و دیگر صفات کمی، این نتایج مطابق با یافته‌های ناروئی‌راد و همکاران (Naroui Rad *et al*., 2014) می باشد که در پژوهشی پیرامون ارتباط میان صفات مرتبط با عملکرد در ۴۹ ژنوتیپ ملون نشان دادند که ارتباط مثبت و معنی‌دار بین عملکرد و وزن میوه و قطر گوشت وجود دارد. صفاتی مانند طول، عرض، اندازه حفره بذری، روز تا برداشت میوه و ضخامت گوشت میوه با یکدیگر ارتباط مثبت و معنی‌دار در سطح ۵ و ۱ درصد داشتند. بیشترین همبستگی را دو صفت وزن میوه و قطر میوه (۰/۹۰۸**) داشتند. نانتاکومار و همکاران (Nanthakumar *et al*., 2021) در بررسی تجزیه مسیر روی شش والد طالبی و ۳۰ نتاج F_1 آنها نشان دادند عملکرد میوه در بوته با وزن میوه، قطر میوه، طول میوه و ضخامت گوشت همبستگی مثبت و معنی‌داری داشت.

تفکیک متجاوز صفات کمی

گاهی هنگام دورگ‌گیری در صفات کمی به دلیل وقوع پدیده تفکیک متجاوز در نسل F_2 و دیگر نسل‌های در حال تفرق فنوتیپ هایی مشاهده می‌شود که خارج از محدوده والدین خود هستند که می‌توان این تفکیک یافته‌ها را از طریق گزینش و خودگشنی تثبیت کرد. وجود این تفکیک یافته‌ها به موضوع تفکیک متجاوز اشاره می‌کند که طبق مطالعات ژنتیک کلاسیک و کیو تی ال، عمل مکمل ژن‌ها را مهمترین دلیل وقوع پدیدهٔ مذکور می‌دانند. وقوع پدیده‌ی تفکیک متجاوز ناشی از پلی‌ژنیک بودن صفت است به‌نحوی‌که بنظر می‌رسد والدین آلل‌های متفاوتی را به‌منظور بیان یک صفت به اشتراک می‌گذارند (Rieseberg *et al*., 1999). بدیهی است که برای وقوع این پدیده، باید اثر ژن‌های کنترل کنندهٔ یک صفت در لوکوس های مختلف در هر تلاقی به‌صورت افزایشی باشد (Upadhyaya *et al*., 2011)، چه بسا شناسایی QTLهای با اثرات افزایشی کوچک در ارتباط با این صفات کمی این موضوع را تأیید می‌کند. در جمعیت مورد بررسی NGF_2، برای تمام صفات کمی تفکیک متجاوز مثبت و منفی به‌ترتیب نسبت به والد با ارزش بیشتر و کمتر و برای قطر حفره

بذری، تاریخ رسیدگی، شدت بیماری و کنه، شیارها و شبکه‌های روی پوست و سفتی و ضخامت پوست پس‌روی ژنتیکی در نسل F_2 نسبت به نسل F_1 مشاهده شد. در این جمعیت پس‌روی ژنتیکی منفی و کارامد برای آلودگی ویروس‌ها و کاهش در عادت رشد رویشی و گسترش بوته‌ها بیشتر، و برای قطر حفره بذری، میزان مواد جامد محلول، بوته‌میری و میزان شبکه پوست کمتر بود.

وزن میوه به‌عنوان مهمترین عامل موثر در عملکرد محسوب می شود. با توجه به نتایج (شکل ۱ و جدول ۱) بیش از ۸۵ درصد ژنوتیپ‌های این نسل دارای فنوتیپ‌های خارج از محدوده والدین بودند؛ که با بررسی این فنوتیپ‌ها از نظر سایر صفات، می‌توان آنها را گزینش و با خودگشنی تثبیت کرد. تفکیک یافته‌های متجاوز در هیبریدهای ناشی از تلاقی‌های بین گونه‌ای در صورت داشتن سطح پلوییدی شبیه به خویشاوندان وحشی خود می‌تواند روش مؤثری برای بهره‌برداری از ژن‌های مطلوب آنها جهت افزایش سطح عملکرد محسوب شوند. برای کنترل ژنتیکی وزن میوه در لاین‌های دابل هاپلویید و نسل دوم تلاقی بین Piel-de-Sapo × PI161375، ۶ جایگاه QTL(Monforte *et al*., 2004) و در مطالعه دیگری در لاین‌های ایزوژنیک (NILs) آنها ۱۱ QTL (Eduardo *et al*., 2007) گزارش شده است.

براساس نتایج، تفکیک متجاوز مثبت و منفی برای طول و عرض میوه و نسبت این دو (شاخص شکل میوه) به وقوع پیوسته است (جدول ۱). با توجه به مقدار عددی شاخص شکل میوه در نسل‌های والدی و F_1 و F_2 بنظر می‌رسد شکل غالب میوه‌ها کاملا گرد نبود و تمایل به حالت بیضوی و تخم مرغی داشت اگرچه این حالت با چشم به راحتی قابل مشاهده نبود؛ این نتایج با گزارش وال (Wall, 1967) مطابقت داشت، که نشان دادند شکل بیضوی میوه نسبت به شکل گرد آن تحت کنترل ژنتیکی آلل غالب O می‌باشد. در مطالعه‌ای ۱۱ جایگاه QTL برای کنترل طول میوه، ۱۰ QTL برای عرض میوه و ۱۵ QTL برای نسبت طول به عرض میوه در در لاین‌های ایزوژنیک تلاقی بین Piel-de-sapo و PI161375 شناسایی شدند (Eduardo *et al*., 2007). کایاک و ترکمن (Kayak & Türkmen, 2022) در گزارشی روی ثبت ویژگی‌های مورفولوژیکی لاین‌های خربزه، نشان دادند شکل میوه‌ها ۷۴/۶ درصد گرد، ۱۸ درصد بیضوی و ۳/۰۱ درصد پهن بودند.

در ارتباط با قطر حفره بذری میوه، به‌عنوان یک صفت مهم در طالبی، انتخاب تفکیک یافته‌های متجاوز، در پایین دست والد با ارزش کمتر، مد نظر می‌باشد. با توجه به پراکنش داده در اطراف والدین، در شکل ۱، ۱۶ درصد از نتاج، دارای تفکیک متجاوز منفی بودند که باید از بین آنها گزینش صورت پذیرد. پراکندگی داده‌ها در اطراف والدین نشان دهنده وجود تفکیک یافته‌هایی است که آلل‌های افزایش دهنده بروز این صفت کمی، نه تنها از والد برتر، بلکه از والد ضعیف‌تر نیز به آنها منتقل شده و به‌دلیل تجمع آلل‌های غالب با تأثیرات مشابه از لوکوس‌های مختلف این پدیده آشکار، و به تولید این فنوتیپ‌های برتر از والدین منجر شده است (Saadalla *et al*., 1990). براساس یافته های قبلی تک ژن غالب Ec برای کنترل وجود حفره‌های توخالی در میوه بالغ گزارش شده است که این ژن در گروه لینکاژی III نیز نقشه‌برداری شده است (Perin *et al*., 1999).

در ارتباط با ضخامت گوشت میوه، بیش از ۶۰ درصد ژنوتیپ‌ها نسبت به والدین تفکیک متجاوز نشان دادند. در این جمعیت برترین تفکیک یافته متجاوز آنهایی هستند که حاوی تعداد آلل‌های مطلوب بیشتری نسبت به والد برتر خود بودند و آلل‌های مطلوب را هم از والد برتر و هم از والد ضعیف‌تر خود دریافت کرده‌اند. مواد جامد محلول میوه (TSS) هم به‌عنوان مبنایی برای سنجش میزان قند میوه، در کنار بافت گوشت میوه، مهمترین عامل در طعم میوه بشمار می‌رود. با توجه به نتایج، تنها ۱۸ درصد ژنوتیپ‌ها نسبت به والد برتر، برتری داشتند. بنابراین به‌نظر می‌رسد نزدیک به ۲۰ درصد ژنوتیپ‌ها دارای TSS بالا بودند و گزینش تفکیک یافته‌هایی با این ویژگی، به شرط داشتن دیگر مشخصات مطلوب مورد ارزیابی، به تنوع ژنتیکی جامعه طالبی و خربزه کشور کمک شایانی خواهد کرد. براساس تحقیقات متعدد طی سال‌های اخیر، تعداد زیادی جایگاه QTL برای کنترل مواد جامد محلول کل میوه طالبی و خربزه در تلاقی‌های متعدد گزارش و اعلام شده است (Obando-Ulloa *et al*., 2009; Harel-Beja *et al*., 2010).

روز تا برداشت میوه به‌عنوان شاخص رسیدگی و یکی از عوامل مؤثر در افزایش عملکرد و سود و زیان اقتصادی آن، مبنای زودرسی یا دیررسی ژنوتیپ‌ها به شمار می‌رود. با توجه به پراکنش ژنوتیپ‌ها در اطراف والدین، فقط ۱۶ درصد آنها فنوتیپ‌های مفید و زودرس بودند که گزینش برای زودرسی، باید از بین ژنوتیپ‌های تفکیک یافته مذکور بر اساس صفات مهم اقتصادی صورت گیرد. تحقیقات نشان دهنده نقش ژن‌های کوچک اثر در کنترل تغییرات کمی زودرسی میوه می‌باشد. مونفورته و همکاران (Monforte *et al*., 2004) ۹ QTL و کوواز و همکاران (Cuevas *et al*., 2009) ۳ QTL برای زودرسی میوه بالغ گزارش کردند. دال و همکاران (Dal *et al*., 2016) طی یک گزارش کلی روی تنوع ژنتیکی ۶۸ ژنوتیپ خربزه، نشان دادند متوسط طول بوته، وزن میوه، ضخامت گوشت میوه، ضخامت پوست میوه و محتوای جامد محلول کل آنها به‌ترتیب برابر ۷۷/۳۱ سانتی‌متر ۶۷۳/۲۹ گرم، ۱۲/۶۶ میلی‌متر، ۶/۶۸ میلی‌متر و ۶/۹۸ درصد بوده است.

فراوانی صفات کیفی در والدین و نسل‌های اول و دوم پس از تلاقی

از نظر عادت رشد رویشی بوته‌های نسل F_2 مورد بررسی قرار گرفتند (شکل ۲). با توجه به نتایج (وجود ۶۴ درصد عادت رشد رویشی متوسط) و این‌که بوته‌های والد سمسوری حالت کپه‌ای و شاخ و برگ افراشته داشتند ولی بوته‌های والد گالیا دارای رشد رونده و گستردگی متوسط بوده و گستردگی بیشتری نسبت به والد سمسوری داشتند؛ ژنوتیپ‌های تفکیک یافته متعددی در بین جمعیت نسل F_2 مشاهده شد که به‌نظر می‌رسد این بوته‌ها عمدتا با تمایل به والد مادری گالیا و دارای گستردگی بیشتری هستند؛ بنابراین گزینش بوته‌هایی با عادت رشد نسبتاً گسترده، بشرط داشتن تراکم برگ‌ها در قسمت وسط بوته، نسبت به بوته‌های افراشته و ترد، جهت جلوگیری از آفتاب سوختگی میوه‌ها، مطلوب‌تر می‌باشد. هر چند انتخاب ژنوتیپ ها دارای حد واسط فرم افراشته و رونده، مطلوب‌تر خواهد بود. بنابه گزارش‌های تحقیقاتی گذشته، ژن مغلوب یا نیمه غالب slb، برای کنترل تشکیل شاخه‌های جانبی کوتاه[1] (کاهش طول شاخه‌های جانبی) در ملون وحشی روسی به نام LB-1 توصیف و گزارش شده است (Ohara *et al*., 2001). همچنین گزارشی مبنی بر وجود لوکوس‌های صفات کمی در کنترل معماری و رشد ریشه گیاه توسط فیتا و همکاران (Fita *et al*., 2008) وجود دارد که براساس آن QTL ۱۷ برای صفات مرتبط شناسایی شده است.

در ارتباط با فرم بوته، با توجه به نتایج، و این‌که تک ژن مغلوب[2] lmi باعث کنترل طولانی بودن محور زیر لپه و طولانی بودن میانگره (۲۰ سانتی‌متر) در ساقه اصلی شده است، اما بر طول میانگره‌های ساقه جانبی نمونه مؤثر نبوده است (McCreight, 1983). همچنین سه ژن مغلوب و مستقل Si1, Si2 و Si3 که جهت کنترل کوتاه بودن میانگره‌های ساقه گزارش شده‌اند؛ در سه لاین مستقل از هم، به‌ترتیب باعث ایجاد عادت رشد بیش از اندازه فشرده بودن (تیپ بوش) با میانگره حدود ۱ سانتی‌متر در UC Topmkar Bush، ایجاد تیپ آشیانه پرنده[3] با رشد کمتر از یک سانتی‌متر در ملون ایرانی 202 و همچنین ایجاد میانگره کوتاه در طول مراحل رشد و پاکوتاهی در لاین مستقل دیگر شده‌اند (Knavel, 1990). فرم افراشته بوته در والد سمسوری نسبت به حالت رونده در والد گالیا کاملاً مشهود می‌باشد؛ به‌نظر می‌رسد تمایل بیشتر بوته به گسترش اندام‌های رویشی و ایجاد حالت رونده در والد گالیا به علت عدم حضور ژن‌های کنترل کننده کاهش طول میانگره نسبت به حالت رشد کپه‌ای[4] در والد سمسوری بوده است.

رنگ پوست میوه در ملون‌ها براساس ترکیب سه رنگدانه کلروفیل، کارتنوئید و نارینجنین-چالکول[5] مشخص می‌شود که کنترل پلی‌ژنیک دارد. رنگدانه‌های فلاونوئیدی مسئول رنگ زرد میوه‌های بالغ در ملون نوع زرد قناری رنگ هستند (Tadmor *et al*., 2010). تجمع نارینجنین-چالکول به‌عنوان یک صفت غالب مونوژنیک به ارث می‌رسد و *Chl* و *Car* دو ژن پیوسته هستند که تجمع کلروفیل و کارتنوئید را در پوست میوه رسیده کنترل می‌کنند. تجمع کلروفیل و کارتنوئید به‌طور مشترک به‌عنوان یک ژن غالب (*Nca*) مستقل از تجمع نارینجنین-چالکول است (Tadmor *et al*., 2010). از طرف دیگر براساس برخی گزارش‌ها، ژن‌های کوچک اثر احتمالا تغییرات کمی تجمع این رنگدانه‌ها را کنترل می‌کنند. به‌طوری‌که جهت کنترل رنگ پوست میوه در لاین‌های ایزوژنیک (NILs) حاصل از تلاقی Peal-de-sapo × PI161375، ۱۳ QTL برای رنگ پوست و ۱۲ QTL برای رنگ زمینه میوه با استفاده از سه رنگ جزء گزارش شده است (Obando *et al*., 2008). با توجه به این‌که در این پژوهش والد گالیا دارای پوست زرد رنگ و والد سمسوری دارای رنگ پوست سبز مایل به کرمی بودند؛ در نتاج نسل اول رنگ پوست ۸۰ درصد میوه‌ها کرمی مایل به زرد و در جمعیت در حال تفکیک F2 بیش از ۸۰ درصد ژنوتیپ‌ها دارای رنگ پوست زرد بودند و این نتایج دور از انتظار نبود. دال و همکاران (Dal *et al*., 2016)(در مطالعه‌ای بر روی ۶۸ ژنوتیپ طالبی و خربزه نشان دادند رنگ پوست میوه در ۹/۴ درصد ژنوتیپ‌ها، سبز روشن، در ۴۵/۲ درصد به‌صورت سبز، در ۴۱/۵ درصد قهوه‌ای، در ۱/۸ درصد به‌صورت زرد روشن و در ۱/۸ درصد از ژنوتیپ‌ها سبز سیاه بود.

در ارتباط با رنگ گوشت میوه، با توجه به این‌که والدهای گالیا و سمسوری هر دو دارای گوشت میوه سبز رنگ بودند و هیچکدام دارای گوشت نارنجی نبودند و از طرف دیگر، مزوکارپ سبز (gf) و سفید (wf) نسبت به نارنجی مغلوب هستند و اثر متقابل اپیستازی دارند (Clayberg 1992). از این‌رو هم در نسل F_1 و هم جمعیت F_2 میوه ها عمدتا دارای گوشت سبز رنگ بودند. در جمعیت F_2 عمدتا (۸۰ درصد) دارای رنگ گوشت سبز و هیچ میوه‌ای با گوشت نارنجی در نسل F_2 مشاهده نشد (شکل ۲). بر اساس یافته‌های هارل- بجا و همکاران (Harel-Beja *et al*., 2010) ۳ QTL برای رنگ گوشت در تلاقی PI 414723 × Dulce (RI)، و بر اساس گزارش اوباندو و همکاران (Obando *et al*., 2008) ۱۶ QTL برای رنگ گوشت و ۱۰ QTL برای رنگ آب میوه با استفاده از سه رنگ جزء در تلاقی Peal-de-sapo × PI161375 (NILs) توصیف شده است

شبکه چوب پنبه‌ای روی پوست میوه به‌دلیل کاهش آسیب دیدن و بهبود قابلیت نگهداری و حمل و نقل میوه دارای اهمیت زیادی است؛ از این رو به‌عنوان یک ویژگی مهم در نسل‌های والدی و F_1 و

1- Short Lateral Branching
2- Long main stem internode
3- Birdnest
4- Bush
5- Naringenin-chalcone

F_2 مورد توجه ویژه قرار گرفت. با توجه به نتایج (شکل ۲)، و اینکه تک ژن غالب *Rn*، برای کنترل توسعه شبکه روی پوست، صرف نظر از درجه شبکه‌ای بودن، در لاین BIZ (کانتالپ تجاری اسرائیلی) و rn در PI414723 (پوست صاف) گزارش شده است (Herman *et al*., 2008)؛ بنابراین کنترل ژنتیکی صفت مشبک بودن میوه، تحت غالبیت ژن‌هاست و ظهور ۸۰ درصد میوه مشبک در نسل تفکیک F_2 مطابق با نسبت مندلی نسبت ۳ به ۱ قابل انتظار بود. با این توصیف، گزینش ژنوتیپ‌های هموزیگوس یا هتروزایگوس مشبک به شرط داشتن دیگر صفات مطلوب و اقتصادی در نسل F_2 و تثبیت آن در نسل‌های بالاتر منجر به ایجاد لاین‌های مطلوب مورد نظر و مشبک خواهد شد. براساس گزارش کایاک و ترکمن (Kayak & Türkmen, 2022)، الگوی رنگ پوست در تمامی ژنوتیپ‌ها، ۹/۶ درصد بدون خال و ۸۴/۹ درصد خالدار برآورد شد. سطح میوه ۱/۸ درصد مواج، ۵۹/۶ درصد دارای چین و چروک‌های ریز و ۳۵/۵ درصد صاف در تمامی ژنوتیپ‌ها تعیین شد.

با توجه به اینکه تک ژن st-2 کنترل کننده خطوط و رگه‌های روی پوست میوه و نسبت به اپیکارپ و پوست غیر راه راه مغلوب می باشد (Danin-poleg *et al*., 2002) و همچنین با در نظر گرفتن بدون خط بودن والد گالیا و خطدار بودن والد سمسوری، حضور ۶۵ درصد ژنوتیپ‌های نسل F_2 دارای پوست بدون خط و ۳۵ درصد دارای خطوط واضح یا کمرنگ دور از انتظار نبود و تا حدودی با نسبت‌های ۳ به ۱ تطابق داشت. ضمن این‌که ژن‌های کوچک اثر دیگری نیز در بروز این صفت نقش دارند. جهت کنترل ژنتیکی حالت راه راه روی پوست میوه ۳ QTL توسط هارل-بجا (Harel-Beja *et al*., 2010)، در تلاقی PI414723 × Dulce (RI) توصیف و گزارش شده است.

سفتی و ضخامت پوست به‌عنوان دو معیار اصلی نقش مهمی در افزایش عمر پس از برداشت و بازارپسندی میوه ایفا می‌کنند. با توجه به نتایج، دو والد سمسوری و گالیا دارای سفتی نسبتا بالا و ضخامت پوست در حد کم تا متوسط بودند؛ و بوته‌های نسل F_2 نیز عمدتا دارای سفتی متوسط تا زیاد و ضخامت کم تا متوسط بودند؛ براساس تحقیقات گذشته طالبی رقم سمسوری دارای سفتی پوست و عمر پس از برداشت پایینی است (Poyesh *et al*., 2021; Jariani *et al*., 2017) ضمن این‌که این دو ویژگی در رقم گالیا در حد متوسط و بالاتر بودند. براساس گزارش هارل-بجا و همکاران (Harel-Beja *et al*., 2010)، ۲ QTL برای کنترل سفتی پوست میوه در تلاقی PI414723 × Dulce (RI)، و همچنین ۵ QTL برای سفتی گوشت میوه در تلاقی Peal-de-sapo × PI161375 (NILs) توسط مورنو و همکاران (Moreno *et al*., 2008) توصیف شده است.

نتیجه‌گیری

روش اساسی برای اصلاح ارقام جدید، استفاده از والدین مناسب به‌منظور هیبریداسیون، ایجاد تنوع ژنتیکی گسترده و انتخاب گیاهان با خصوصیات مطلوب هر دو والد می‌باشد. نتایج این مطالعه نشان داد ارقام وارداتی، منابع ژنتیکی خیلی خوبی جهت تلاقی با ارقام بومی جهت افزایش تنوع و بهبود ارقام بومی به‌ویژه از لحاظ مقاومت و تحمل به بیماری‌ها هستند. رتبه‌بندی بوته‌ها در جمعیت بزرگ نسل دوم از لحاظ میزان الودگی به عوامل بیماریزای مهم در مزرعه نشان داد استفاده از گزینش طبیعی در یک برنامه اصلاحی کاربردی، دست کم برای شناسایی و حذف ژنوتیپ‌های حساس با ارزش و مفید می باشد. البته ضروری است مقاومت لاین‌های گزینش شده به عوامل بیماریزای رایج و مهم (مانند فوزاریوم و ماکروفومینا) در نسل‌های پیشرفته که تعداد گیاهان محدود و مقاومت آنها تثبیت می‌گردد، با آلوده‌سازی مصنوعی در شرایط گلخانه و آزمایشگاه بطور دقیق بررسی شوند.



شکل ۳- میوه‌های والد 'سمسوری' (سمت چپ)، والد گالیا (سمت راست) و نمونه‌ای از میوه‌های نسل F_2

Figure 3- Samsoori parent fruit (left), Gallia parent (right) and a sample of F_2 generation fruits

همه صفات کمی در جمعیت F_2 دارای وراثت‌پذیری عمومی بالای ۹۰ درصد بودند که نشان می‌دهد انتخاب در نسل‌های اولیه قابل اعتماد و موفقیت‌آمیز خواهد بود و بهتر است گزینش ژنوتیپ‌های برتر در جمعیت F_2 براساس وزن میوه (دارای بازده ژنتیکی بالا)، مواد

جامد محلول و روز تا رسیدگی میوه صورت گیرد. همچنین با توجه به این‌که ژنوتیپ‌های تفکیک یافته متجاوز و مطلوب زیادی در جمعیت F_2یافت شد، می‌توان با مدیریت بوته‌های منتخب به روش شجره‌ای، در نهایت به لاین‌هایی دست یافت که صفات مطلوب هـر دو والـد را داشته باشند. لاین‌های به‌دست آمده جهت تولید بذر هیبریـد تجـاری استفاده شده یا بعد از چند نسل به صورت یک رقم آزاد گرده‌افشان در اختیار کشاورزان قرار خواهند گرفت.

References

1. Adib, F.Y., Wiko, A.W., & Budi, S.D. (2022). Genetic stability of melon (*Cucumis melo* L. cv. Meloni) based on inter-simple sequence repeat and phenotypic characteristics. *Biodiversitas*, 23(6), 3042-3049. https://doi.org/10.13057/biodiv/d230631
2. Anam, R., Shailesh, M., & Vijay, B. (2022). DUS Characterization in snap melon landraces of vindhayan region of estern U. P. Indian as per Muskmelon on PPV and FRA guidelines. *Plant Archives*, *22*(2), 322-326. https://doi.org/10.51470/PLANTARCHIVES.2022.v22.no2.055
3. Choudhary, B.R., Pandey, S., Rao, E.S., & Sharma, S.K. (2015). DUS characterization of muskmelon (*Cucumis melo*) varieties. *Indian Journal of Agricultural Sciences*, *85*(12), 1597–1601. https://doi.org/10.51470/PLANTARCHIVES.2022.v22.no2.055
4. Clayberg C.D. (1992). Interaction and linkage tests of flesh color genes in *Cucumis melo* L. *Cucurbit Genetics Cooperative Report*, *15*, 53.
5. Cuevas, H.E., Staub, J.E., Simon, P.W., & Zalapa, J.E. (2009). A consensus linkage map identifies genomic regions controlling fruit maturity and beta-carotene-associated flesh color in melon (*Cucumis melo* L.). *TAG. Theoretical and applied genetics. Theoretische und angewandte Genetik*, *119*(4), 741–756. https://doi.org/10.1007/s00122-009-1085-3
6. Dal, Y., Kayak, N., Kal, Ü., Seymen, M., & Türkmen, Ö. (2016). Yerel kavun (*Cucumis melo* L.) Genotiplerinin bazı morfolojik Özellikleri.11. Sebze Tarımı Sempozyumu Ordu Üniversitesi.
7. Damicone, J., Shrefler, J., & Brandenberger, L. (2020). *Guide for identification and management of diseases of cucurbit vegetable crops*. Oklahoma Cooperative Extension Service. Division of Agricultural Sciences and Natural Resources Oklahoma State University, E-929, shareok.org.
8. Danin-Poleg, Y., Tadmor, Y., Tzuri, G., Reis, N., Hirschberg, J., & Katzir, N. (2002). Construction of a genetic map of melon with molecular markers and horticultural traits, and localization of genes associated with ZYMV resistance. *Euphytica*, *125*, 373-384. https://doi.org/10.1023/A:1016021926815
9. Dorri, P., Khavari-Khorasani, S., Valizadeh, M., & Taheri, P. (2014). The study of inheritance and gene effects on yield and agronomic traits of early generations of genetic maize Dehghan (KSC400). *Plant Genetics Research*, *1*(2), 33-42. (In Persian with English abstract). https://doi.org/10.22059/IJFCS.2022.335109.654879
10. Eduardo, I., Arus, P., & Van der Knaap, E. (2007). Estimating the genetic architecture of fruit quality traits in melon using a genomic library of near isogenic lines. *Journal of the American Society for Horticultural Science*, *132*, 80-89. https://doi.org/10.21273/JASHS.132.1.80
11. Ehdaie, B. (2008). *Plant breeding*. University of Tehran Press, p.589.
12. F.A.O. (2016). *Biodiversity*: Agricultural biodiversity in FAO. From: http://faostat.fao.org/site/339/default.aspx.
13. F.A.O. 2019. FAOSTAT agricultural database. Available at: http://apps.fao.org.
14. Feyzian, E., Dehghani, H. Rezai, A., & Jalali Javaran, M. (2009b). Correlation and sequential path model for some yiel related traits in Melon (*Cucumis melo* L.). *Iranian Journal of Agricultural Sciences*, 11, 341-353. https://doi.org/10.22059/ijhst.2020.308631.382
15. Feyzian, E., Dehghani, H., Rezai, A. M., & Jalali Javaran, M. (2009a). Diallel cross analysis for maturity and yiel related traits in melon (Cucumis melo L.). *Euphytica*, 168 (2), 215-223. DOI:10.1007/s10681-009-9904-9
16. Fita, A., Pico, B., Monforte, A. J., & Nuez, F. (2008). Genetics of root system architecture using near isogenic lines of melon. *Journal of the American Society for Horticultural Science*, 133, 448-458. https://doi.org/10.21273/JASHS.133.3.448
17. Gholizadeh-Roshanagh, S. (2016). Genetic diversity of three viruses of cucumber mosaic, watermelon mosaic and squash yellow mosaic in Varamin melon and cantaloupe fields. MSc. thesis, University of Tehran.
18. Harel-Beja, R., Tzuri, …, & Katzir, N. (2010). A genetic map of melon highly enriched with fruit quality QTLs and EST markers, including sugar and carotenoid metabolism genes. *Theoretical and Applied Genetics*, 121, 511-533. https://doi.org/10.1007/s00122-010-1327-4
19. Herman, R., Zvirin, Z., … & Goodman E. (2008). Characterization of Fusarium race 1.2 resistance in melon and mapping of a major QTL for this trait near a fruit netting locus 1. Proceeding of the IX eucarpia meeting on

genetics and breeding of Cucurbitaceae, 149 – 156.

20. Iathet, C., & Piluek, K. (2006). Heritability, heterosis and correlations of fruit characters and yield in Thai slicing melon (*Cucumis melo* L. var. *Conomon* makino). *Kasetsart Journal, Natural Sciences*, 40(1), 20-25.
21. Jariani, P., Ramshini, H., Lotfi, M., Amini, F., Abtahi, H., & Ahmadvand, R. (2022). Development of cantaloupe (*Cucumis melo*) lines carrying Vat gene with favorable fruit traits. *European Journal of Horticultural Science*, 87(5), 1-9. DOI:10.17660/eJHS.2022/052
22. Kalb, T. J., & Davis, D. W. (1984). Evaluation of combining ability, heterosis, and genetic variance for yield, maturity, and plant characteristics in bush muskmelon. *Journal of the American Society for Horticultural Science*, 109(3), 416-419.
23. Kayak, N., & Türkmen, Ö. (2022). Reveling morphological variability in some S_1 level melon genotypes. *International Journal of Agricultural and Natural Sciences*. 15(1), 109-124.
24. Kerje, T., & Grum, M. (2000). The origin of melon, *Cucumis melo*: a review of the literature. Acta Horticulture *510*, 37-44. https://doi.org/10.17660/ActaHortic.2000.510.5
25. Kitroongruang, N., Poo-Swang, W., & Tokumasu, S. (1992). Evaluation of combining ability, heterosis and genetic variance for plant growth and fruit quality characteristics in Thai-melon (*Cucumis melo* var. acidulus Naud.). *Scientia Horticulturae*, *50*(1), 79-87. https://doi.org/10.1016/S0304-4238(05)80011-1
26. Knavel, D.E. (1990). Inheritance of a short-internode mutant of Mainstream muskmelon. *Hortscience*, *25*, 1274-1275. https://doi.org/10.21273/HORTSCI.25.10.1274
27. Kurosky, K., Kuhn, K., Luton, J., & Rosenberg, S. (2016). *Field guide to cucurbit diseases reference guide to cucumber, melon, pumpkin and watermelon diseases*. Translated by Alizadeh, M. (1th ed). Miyad Andisheh Publication, 246 p.
28. McCreight, J.D. (1983). A long internode mutant in muskmelon. *Cucurbit Genetics Cooperative Rep*. *6*, 45.
29. Mohammadi, R., Dehghani, H., & Karimzadeh, G. (2014a). Graphic analysis of trait relations of cantaloupe using the Biplot method. *Journal of Plant Production*, *21*(4), 43-62. (In Persian with English abstract). https://doi.org/20.1001.1.23222050.1393.21.4.3.9
30. Mohammadi, R., Dehghani, H., Karimzadeh, Q., Dane, F., & Akrami, M. (2014b). Study on relationships between yield and its components in Iranian cantaloupe genotypes. *Iranian Journal of Horticultural Sciences*, *45*(1), 1-10. (In Persian with English abstract). https://doi.org/10.22059/IJHS.2014.50939
31. Monforte, A.J., Eduardo, I., Abad S., & Arus, P. (2005). Inheritance mode of fruit traits in melon: Heterosis for fruit shape and its correlation with genetic distance. *Euphytica*, *144*, 31-38. https://doi.org/10.1007/s10681-005-0201-y
32. Monforte, A.J, Oliver, M., Gonzalo, M.J., Alvarez, J.M., Dolcet-Sanjuan, R., & Arus, P. (2004). Identification of quantitative trait loci involved in fruit quality traits in melon (*Cucumis melo* L.). *Theoretical and Applied Genetics*, *108*, 750-758. https://doi.org/10.1007/s00122-003-1483-x
33. Moreno, E., Obando, J.M., Dos-Santos, N., Fernandez-Trujillo, J.P., Monforte, A.J., & Garcia-Mas, J. (2008). Candidate genes and QTLs for fruit ripening and softening in melon. *Theoretical and Applied Genetics*, *116*, 589-602. https://doi.org/10.1007/s00122-007-0694-y
34. Nanthakumar, S., Sankar, R.S., & Rameshkumar, D. (2021). Correlation and path analysis studies on yield and yield components in Muskmelon. *International Journal of Plant and Soil Science*, *33*(21), 130-136. https://doi.org/10.1007/s00122-007-0694-y
35. Naroui-Rad, M.R., & Rafezi, R. (2020). Integrated genetic components and machine learning approaches for better selection of traits in breeding of melon under high tunnel cultivation codition. *Plant Cell Biotechnology and Molecular Biology*, *21*(37and 38), 36-46.
36. Naroui-Rad, M.R., Koohkan, S., Fanaei, H.R., & Khajedad, M. (2014). Multivariate analysis to determine relationship between phenological traits with yield components in native melon population (*Cucumis melo* L.). *Scientific Journal of Crop Science*, *3*(5), 48-55. (In Persian with English abstract). https://doi.org/10.14196/sjcs.v3i5.1370
37. Obando, J., Fernandez-Trujillo, J.P., Martinez, J.A., Alarcon, A.L., Eduardo, I., Arus, P., & Monforte, A.J. (2008). Identification of melon fruit quality quantitative trait loci using near-isogenic lines. *Journal of the American Society for Horticultural Science*, *133*, 139-151. https://doi.org/10.21273/JASHS.133.1.139
38. Obando-Ulloa, J.M., Eduardo, I., Monforte, A.J., & Fernandez-Trujillo, J.P. (2009). Identification of QTLs related to sugar and organic acid composition in melon using near-isogenic lines. *Scientia Horticulturae*, *121*, 425-433. https://doi.org/10.1016/j.scienta.2009.02.023
39. Ohara, T., Kojima, A., Wako, T., & Ishiuchi, D. (2001). Inheritance of suppressed-branching in melon and its association with some other morphological characters. *Journal of the Japanese Society for Horticultural Science*, *70*, 341-345. https://doi.org/10.2503/jjshs.70.341
40. Périn, C., Dogimont, C., Giovinazzo, N., Besombes, D., Guitton, L., Hagen, L., & Pitrat, M. (1999). Genetic control and linkages of some fruit characters in melon. *Cucurbit Genetics Cooperative Rep*, *22*, 16-18.
41. Pistorale, S.M., Abbott, L.A., & Adriana, A. (2008). Genetic diversity and broad sense heritability in tall

wheatgrass (*Thinopyrum ponticum*). *Ciencia e Investigación Agraria*, *35*, 213-218.
42. Pitrat, M. (2008). *Melon* In: Prohens, J. & Nuez, F. (Eds.). Handbook of plant breeding-vegetables I. Springer, New York, P: 283–316.
43. Pouyesh, A., Lotfi, M., Ramshini, H., Shamsitabar, A., & Armiyoun, E. (2017). Genetic analysis of yield and fruit traits in cantaloupe cultivars. *Plant Breeding*, *136*, 569–577. https://doi.org/10.1111/pbr.12486
44. Rajitha Nair, S., & Kumar, S. (2021). Innovation in hybrid seed production of vegetable Crops, A review. *The Pharma Innovation Journal*, *10*(7), 1270-1275.
45. Rakhi, R., & Rajamony, L. (2005). Variability, heritability and genetic advance in landraces of culinary melon (*Cucumis melo* L.). *Journal of Tropical Agriculture*, *43*(1-2), 79-82.
46. Ramezani, F., Ramshini, H., Lotfi, M., Mortazavian, M.M., & Pourmombeini, S. (2020). SNP marker assisted selection for improving the sugar content in the cantaloupe. *Iranian Journal of Horticultural Science*, *51*(1), 165-176. https://doi.org/10.22059/IJHS.2019.268815.1534
47. Rieseberg, L.H., Archer, M.A., & Wayne, R.K. (1999). Transgressive segregation, adaptation and speciation. *Heredity*, *83*, 363-372. https://doi.org/10.1038/sj.hdy.6886170
48. Robinson, D.C., Comstock, R.E., & Harvey, P.H. (1955). Genetic variances in open pollinated corn. *Genetics*, *40*, 45-60. https://doi.org/10.1093/genetics/40.1.45
49. Roy, K.W. (1997). *Fusarium solani* on soybean roots: Nomenclature of the causal agent of sudden death syndrome and identity and relevance of *F. solani form B. Plant Disease*, *81*, 259-266. https://doi.org/10.1094/PDIS.1997.81.3.259
50. Saadalla M.M., Shanahan J.F., & Quick J.S. (1990). Heat tolerance in winter wheat: I. hardening and genetic effects on membrane thermo stability. *Crop Science*, *30*, 1243-1247.
51. Shirali, A., Ramshini, H., & Sharezai, A. (2015). *Isolation and identification of fungi associated with cantaloupe and root rot in the southeast of Tehran province.* M.Sc. thesis. University of Tehran. 248 p.
52. Tadmor, Y., Burger, J., & Katzir, N. (2010). Genetics of flavonoid, carotenoid, and chlorophyll pigments in melon fruit rinds. *Journal of Agricultural and Food Chemistry*, *58*, 10722-10728. https://doi.org/10.1021/jF1021797
53. Upadhyaya, H.D., Sharma, S., & Gowda L.L. (2011). Major genes with additive effects for seed size in Kabuli chickpea (*Cicer arietinum* L.). *Indian Academy of Sciences*, *90*(3), 1-4.
54. Wall, J.R. (1967). Correlated inheritance of sex expression and fruit shape in Cucumis. *Euphytica*, *16*, 199-208.
55. Zalapa, J.E., Staub, J.E., & Mccreight, J.D. (2006). Generation means analysis of plant architectural traits and fruit yield in melon. *Plant Breeding*, *125*(5), 482-487. https://doi.org/10.1111/j.1439-0523.2006.01273
56. Zalapa, J.E., Staub, J.E., & Mccreight J.D. (2008). Variance component analysis of plant architectural traits and fruit yield in melon. *Euphytica*, *162*(1), 129-143. https://doi.org/10.1007/s10681-007-9622-0
57. Zhang, Y., Kang, M.S., & Lamkey K.R. (2005). DIALLELSAS05: a comprehensive program for Griffings and Gardner-Eberhart analyses. *Agronomy Journal*, *97*, 1097-1106. https://doi.org/10.2134/agroni2004.0260